

IL17RLP Nucleotid and Amino Acid Sequence

1	GCACGAGCGATGTCGCTCGTGCCTAAGCCTGGCCGCGCTGTGCAGGAGCGCCGTACCC	60
1	<u>M S L V L L S L A A L C R S A V P</u>	17
61	CGAGAGCCGACCGTTCAATGTGGCTCTGAACTGGGCCATCTCCAGAGTGGATGCTACAA	120
18	<u>R E P T V Q C G S E T G P S P E W M L Q</u>	37
121	CATGATCTAATCCCGGAGACTTGAGGACCTCCGAGTAGAACCTGTTACAACTAGTGTT	180
38	<u>H D L I P G D L R D L R V E P V T T S V</u>	57
181	GCAACAGGGGACTATTCAATTTTGATGAATGTAAGCTGGGTACTCCGGGCAGATGCCAGC	240
58	<u>A T G D Y S I L M N V S W V L R A D A S</u>	77
	<i>Domain I</i>	
241	ATCCGCTTGTTGAAGGCCACCAAGATTGTGTGACGGGCAAAAGCAACTTCCAGTCCTAC	300
78	<u>I R L L K A T K I C V T G K S N F Q S Y</u>	97
	<i>Domain I</i>	
301	AGCTGTGTGAGGTGCAATTACACAGAGGCCTTCCAGACTCAGACCAGACCCTCTGGTGGT	360
98	<u>S C V R C N Y T E A F Q T Q T R P S G G</u>	117
361	AAATGGACATTTTCCTACATCGGCTTCCCTGTAGAGCTGAACACAGTCTATTTTCATTGGG	420
118	<u>K W T F S Y I G F P V E L N T V Y F I G</u>	137
421	GCCCATAAATATTCCTAATGCAAATATGAATGAAGATGGCCCTTCCATGTCTGTGAATTTT	480
138	<u>A H N I P N A N M N E D G P S M S V N F</u>	157
481	ACCTCACCAGGCTGCCTAGACCACATAATGAAATATAAAAAAAGTGTGTCAAGGCCGGA	540
158	<u>T S P G C L D H I M K Y K K K C V K A G</u>	177
	<i>Domain II</i>	
541	AGCCTGTGGGATCCGAACATCACTGCTTGTGAAGAAGAATGAGGAGACAGTAGAAGTGAAC	600
178	<u>S L W D P N I T A C K K N E E T V E V N</u>	197
	<i>Domain II</i>	
601	TTCACAACCACTCCCCTGGGAAACAGATACATGGCTCTTATCCAACACAGCACTATCATC	660
198	<u>F T T T P L G N R Y M A L I Q H S T I I</u>	217
661	GGGTTTCTCAGGTGTTGAGCCACACCAGAAGAAACAAACGCGAGCTTCAGTGGTGATT	720
218	<u>G F S Q V F E P H Q K K Q T R A S V V I</u>	237
	<i>Domain III</i>	

FIG. 1A

2/5

IL17RLP Nucleotide and Amino Acid Sequence

721	CCAGTGACTGGGGATAGTGAAGGTGCTACGGTGCAGCTGACTCCATATTTTCTACTTGT	780
238	P V T G D S E G A T V Q L T P Y F P T C	257
781	GGCAGCGACTGCATCCGACATAAAGGAACAGTTGTGCTCTGCCCCACAAACAGGCGTCCCT	840
258	G S <u>D C I R H K G T V</u> V L C P Q <u>T G V P</u>	277
	Domain IV Domain V	
841	TTCCCTCTGGATAACAACAAAAGCAAGCCGGGAGGCTGGCTGCCTCTCCTCCTGCTGTCT	900
278	<u>F P L</u> D N N K S K P G G W L P L L L L S	297
	Domain V	
901	CTGCTGGTGGCCACATGGGTGCTGGTGGCAGGGATCTATCTAATGTGGAGGCACGAAAGG	960
298	L L V A T W V L V A G I Y L M W R H E R	317
961	ATCAAGAAGACTTCCTTTTCTACCACCACACTACTGCCCCCATTAAGGTTCTTGTTGTT	1020
318	I K K T S F S T T T L <u>L P P I K V L V V</u>	337
	Domain VI	
1021	TACCCATCTGAAATATGTTTCCATCACACAATTGTTACTTCACTGAATTTCTTCAAAAC	1080
338	<u>Y P S</u> E I C F H H T I C Y F T E F L Q N	357
	Domain VI	
1081	CATTGCAGAAGTGAGGTCACTCTTGAAAAGTGGCAGAAAAAGAAAATAGCAGAGATGGGT	1140
358	H <u>C R S E V I L</u> E K W Q K K K <u>I A E M G</u>	377
	Domain VII Domain VIII	
1141	CCAGTGCACTGGCTTGCCACTCAAAAGAAGGCAGCAGACAAAGTCGTCTTCTTCTTTCC	1200
378	P V Q W L A T Q K K A A D K V V F L L S	397
1201	AATGACGTCAACAGTGTGTGCGATGGTACCTGTGGCAAGAGCGAGGGCAGTCCCAGTGAG	1260
398	N D V N S V C D G T C G K S E G S P S E	417
1261	AACCTCAAGACTCTTCCCCTTGCCTTTAACCTTTTCTGCAGTGATCTAAGAAGCCAGAT	1320
418	N S Q D S S P C L	426
1321	TCATCTGCACAAATACGTGGTGGTCTACTTTAGAGAGATTGATACAAAAGACGATTACAA	1380
1381	TGCTCTCAGTGTCTGCCCCAAGTACCACCTCATGAAGGATGCCACTGCTTTCTGTGCAGA	1440
1441	ACTTCTCCATGTCAAGTAGCAGGTGTGTCAGGAAAAAGATCACAAGCCTGCCACGATGG	1500

FIG. 1B

3/5

IL17RLP Nucleotide and Amino Acid Sequence

1501	CTGCTGCTCCTTGTAGCCCACCCATGAGAAGCAAGWGACCTTAAAGGCTTCCTATCCCAC	1560
1561	CAATTACAGGGAAAAAACGTGTGATGATCCTGAAGCTTACTATGCAGCCTACAAACAGCC	1620
1621	TTAGTAATTAAAACATTTTATACCAATAAAATTTTCAAATATTGCTAACTAATGTAGCAT	1680
1681	TAACTAACGATTGGAAACTACATTTACAACCTCAAAGCTGTTTTATACATAGAAATCAAT	1740
1741	TACAGTTTTAATTGAAAACTATAACCATTTTGATAATGCACAATAAAGCATCTTCAGCC	1800
1801	AAAAAAAAAAAAAAAAA	1816

FIG. 1C

4 / 5

Percent Similarity: 49.879 Percent Identity: 28.571

$$\begin{array}{c} \text{IL17RLP.aa} \\ \times \\ \text{mIL17R.aa} \end{array}$$

```

 1 MSLVLLSLAALCRS.AVPRE...PTVQCGSE.....TGPSPEWMLQ 37
   ::::| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
16 LGWLLLLLLNLVLAAGRASPRLDLPAPVCAQEGLSCRVKNSTCLDDSWIHP 65
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
38 HDLIPGDLRLDLRVEPVTTSVATGDYSILMNVSWSVLRADASIRLLKATKIC 87
   . : | . : : : : . | . : : : | . | . | | | | . | : : :
66 KNLTPSSPKNIYINLSVSSTQHGLVPVLHVETWLQTDASILYLEGAELS 115
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
88 VTGKSNFQSYSCVRCNYTEAFQTQTRPSGGKWTFYSYIGFPVELNTVYFIG 137
   | . . . . . | | : : : : : : : : : : | | : | : | : |
116 VLQLNTNERL.CVKFQFLSMLQHRK...RWRFSFSHFVVDPGQEYEV 160
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
138 AHNIPNANMNEDGPSMSVNFTSPGCLDHIMYKKKCVKAGSLWDPNITAC 187
   . | : : | : : : | . | : : | | | | | | | | | | | | |
161 VHHLPKPIPDGDPNHKSKIIFVPDCEDSKMKMTTSCVSSGSLWDPNITVE 210
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
188 KKNEETVEVNFTTTPGLGNRYMALIQ.....HSTIIGFSQVFEPHQKK. 229
   . : : : | : | | : : : : : : : : : : | : : | : | : |
211 TLDTQHLRVDFTLWNESTPYQVLLESFSDSENHSCFDDVKQIFAPRQEEF 260
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
230 QTRASVVIPTGD..SEGATVOLTPYFPTCGSDCIRHKGTV..VLCPTGT 275
   : | | | . | : : : : : : : : | : | | | | | | . | : : . |
261 HQRANVTFTLSKFHWCCHHHVQVQFFSSCLNDCLRHAVTVPCPVISNTT 310
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
276 VPFPDLNNKSKPGGWLPLL.....LLSLLVATWVLVAGIYLMWRHERIK 319
   | | | : : : | | : : : | : : | : : | : | : : | | . .
311 VPKPV.....ADYIPLWVYGLITLIAILLVGSVIVLIICMTWRLSGAD 353
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
320 KTSFS.....TTTLLPPIKVLVVPSEICFHHTICY.FTEF 354
   . . : : : : | . . | | | : | | . . : : . . . . | : |
354 QEKGHDDSKINGILPVADLTPPPLRPRKVWIVYSADHPLYVEVVVKFAQF 403
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
355 LQNHCRSEVILEKWQKKKIAEMGPVQWLATQKK...AADKVVFLLSNDV 400
   | . | . | | | : : . . | . : | : : | : . | | . . . | : : | | : .
404 LITACGTEVALDLLEEQVISEVGVMTWVSRQKQEMVESNSKIIILCSRG 453
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
401 NSVCDGTGCGKSEGSPSENSQDSSPC 425
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
454 QAKWKAILGWAEPVQLRCDHWKPA 478
   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .

```

FIG. 2

IL17RLP Protein Analysis

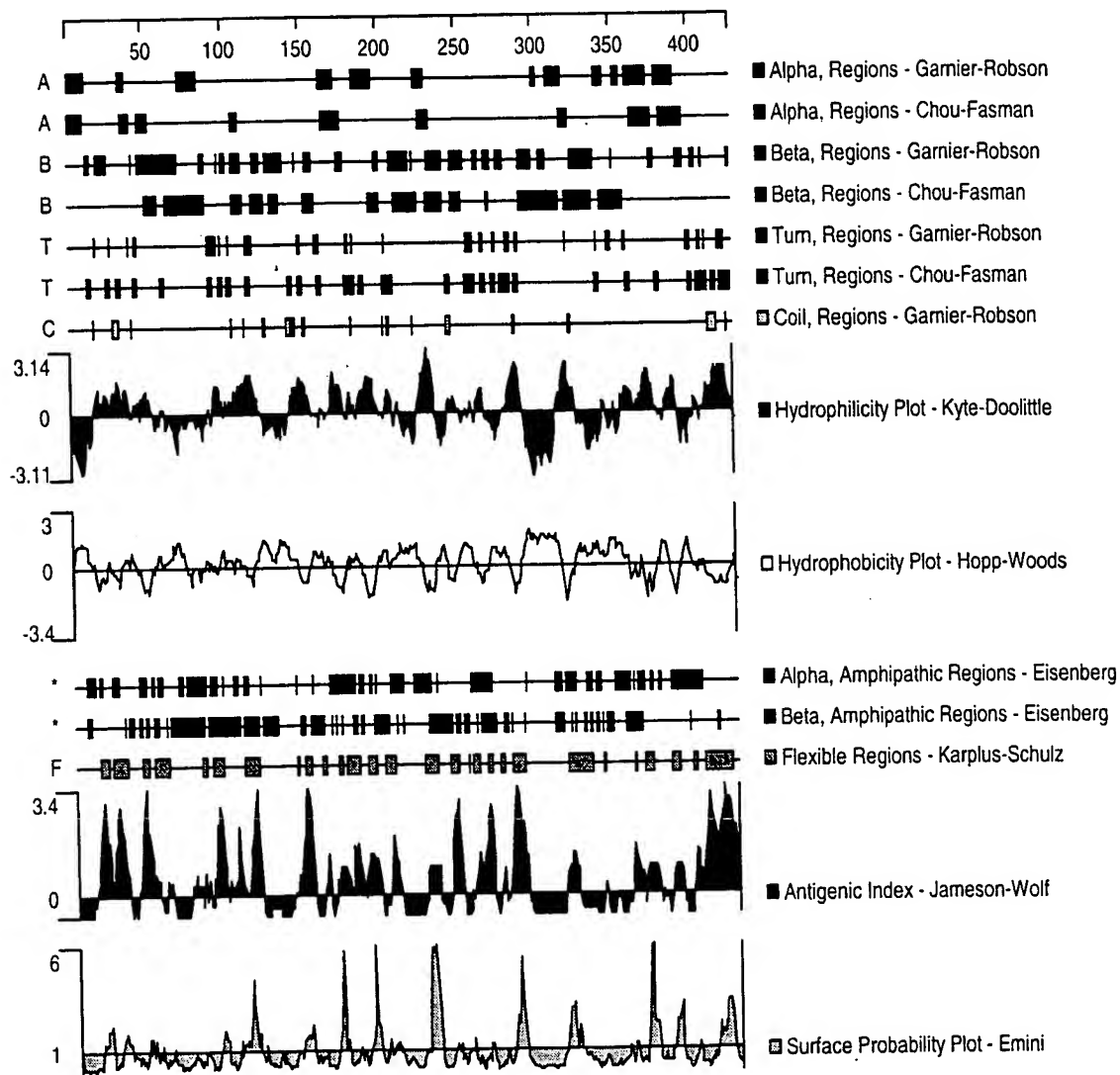


FIG. 3